

Analyse wirtschaftlich wichtiger Merkmale in Zierpflanzen mit komplexen Genomen

Analyses of economically important traits in ornamentals with complex genomes

Dietmar Schulz, Marcus Linde, Juliane Geike, Helgard Kaufmann, Ina Menz, Thomas Debener
Leibniz Universität Hannover, Institut für Pflanzengenetik, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover E-Mail: debener@genetik.uni-hannover.de

Im Gegensatz zu Pflanzenarten die als Modelle für die Grundlagenforschung genutzt werden oder den wichtigsten landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hat die Züchtungsforschung an Zierpflanzen mit einer Reihe von spezifischen Problemen zu kämpfen. Eines der Probleme ist die hohe Diversität an Zierpflanzenkulturen, die zur Folge hat, dass es, im Vergleich zu den landwirtschaftlichen Hauptkulturen, nur relativ geringe Investitionen in Forschung und Entwicklung für die einzelne Kulturart gibt. Weitere Probleme entstehen durch Polyploidie, große Genome, lange Generationszeiten und schlechte Transformierbarkeit.

Als Beispiel werden Arbeiten zur Resistenz an Rosen vorgestellt. In tetrasom spaltenden Nachkommenschaften mit Aufspaltung von Resistenz gegenüber einzelnen pathogenen Rassen eines Erregers ist die Markerentwicklung schwierig, da der Nachweis von Repulsionskopplungen sehr große Nachkommenschaften erfordert. In einem zweiten, alternativen Ansatz wurden in einem Panel von 96 überwiegend tetraploiden Rosensorten Assoziationsstudien zur Resistenz gegen verschiedene Pathogene und zu verschiedenen anderen Merkmalen durchgeführt. Als Markersysteme wurden hauptsächlich SNPs von einem Axiom SNP array sowie KASP Marker verwendet. Beispielhaft werden einzelne mit QTLs assoziierte Marker und erste Validierungsexperimente in

unabhängigen Populationen sowie die Problematik der Dosisermittlung in tetraploiden Genotypen vorgestellt. Abschließend werden Ansätze und erste Ergebnisse zur Modifizierung von MLO-Genen in tetraploiden Rosen mit Hilfe von TALEN und CRISPR gezeigt.

In contrast to model plants and major agricultural crops genetic research and breeding in ornamentals is difficult due to some problems specific to ornamentals. Due to a large variety of cultivated ornamental crops resources for research and breeding for individual crops are smaller as compared to major agricultural crops. In addition, polyploid large genomes, long generation times and recalcitrance for biotechnological approaches are also negative factors.

Here, examples from our research on resistance of roses to pathogens will be presented. In tetraploid progenies with a tetrasomic mode of segregation the development of new markers linked to resistance genes is difficult due to a low sensitivity for markers linked in repulsion. An alternative approach uses linkage disequilibrium in an association set of 96 rose varieties to detect markers associated to pathogen resistance and other traits. As markers an Axiom SNP array and KASP markers were used. Examples for associated markers and their validation in independent populations as

well as technical challenges of SNP calling in tetraploids will be shown. Finally first results for the RNAi and CRISPR based knock down and knock out of rose MLO genes will be presented.